

AMMI Pada Data Cacahan: Model Log-Bilinear

Alfian Futuhul Hadi¹

Budi Lestari¹

Halimatus Sa'diyah²

¹Laboratorium Statistika Jurusan Matematika FMIPA Universitas Jember

E-mail: afhadi@unej.ac.id

²Laboratorium Biometrika Jurusan Budidaya Pertanian FAPERTA Universitas Jember

Abstract

AMMI (Additive Main Effect Multiplicative Interaction) model for interactions in two-way table provide the major mean for studying stability and adaptability through genotype \times environment interaction (GEI), which modeled by full interaction model. Eligibility of AMMI (Additive Main Effect Multiplicative Interaction) model depends on that assumption of normally independent distributed error with a constant variance. In the study of genotypes' resistance, disease and pest (insect) incidence on a plant for example, the appropriateness of AMMI model is being doubtful. We can handle it by introducing multiplicative terms for interaction in wider class of modeling, Generalized Linear Models. An algorithm of iterative alternating generalized regression of row and column estimates its parameters. A log-bilinear model will be applied to the Poisson data distribution. Log-bilinear models give us good information of the interaction by its log- odd ratio.

Kata kunci: AMMI Models, GEI, GLM, alternating regression, Log-bilinear

Pendahuluan

Model AMMI merepresentasikan observasi ke dalam komponen sistematis yang terdiri dari pengaruh utama (*main effect*) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (*multiplicative interactions*), di samping komponen acak sisaan atau galat. Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi yang memanfaatkan penguraian nilai singular (SVD) pada matriks interaksi (Mattjik, A. A., 1998; Mattjik, A. A., 2005). Ada kalanya kelayakan model AMMI dengan galat yang Normal dan ragam konstan tidak terpenuhi.

Arti penting pemodelan statistika adalah menyediakan interpretasi atas fenomena yang dipelajari, dan menyatakannya dengan bahasa yang sesuai dengan bidang aplikasi. Transformasi dapat dihindari manakala kehomogenan ragam dapat dimodelkan oleh suku-suku multiplikatif pengaruh interaksi pada struktur sistematis model. Bagaimanapun, untuk data bukan Normal yang dimodelkan pada skala observasi, interaksi multiplikatif kemungkinan besar merefleksikan dua hal, kehomogenan ragam dan interaksi multiplikatif yang sebenarnya. Tidak ada jaminan bahwa transformasi data pada skala pengamatan dapat memisahkan kedua hal di atas.

Transformasi, dalam kasus analisis regresi ataupun analisis ragam, bertujuan untuk memperoleh kehomogenan ragam, mendekati kenormalan galat, dan keaditifan

pengaruh sistematis. Tidaklah mudah memperoleh sebuah transformasi yang memenuhi semua kebutuhan. Jadi, setelah transformasi pun, suku multiplikatif kemungkinan masih mencerminkan campuran keheterogenan ragam dan pengaruh multiplikatif.

Sementara itu, pada pemodelan aditif telah dikenal luas apa yang disebut dengan *Generalized Linear Models* (GLM) atau Model Linier Terampat (MLT) sebuah kelas pemodelan yang menangani data-data bukan Normal. Pada MLT, keaditifan pengaruh sistematis ditentukan pada skala ternormalkan. Kenormalan (dan kehomogenan) ragam tidak lagi diperlukan, karena dengan (quasi) likelihood hanya relasi antara nilai tengah dan ragam yang perlu ditetapkan.

Model multiplikatif (bilinear) menjembatani kesenjangan antara model pengaruh utama (pada ANOVA ataupun GLM) dan model interaksi lengkap dengan parameter interaksi untuk tiap-tiap sel dalam tabel dua arah. Model ini pun memberikan visualisasi corak utama interaksi melalui biplot. Karenanya pengembangan teori GLM dengan mengakomodasi komponen multiplikatif untuk interaksi sangat diperlukan.

Kekuatan eksplorasi model multiplikatif AMMI terletak pada visualisasi interaksi melalui biplot. Van Eeuwijk, 1995, memperkenalkan model multiplikatif dalam konteks MLT sebagai perluasan dari model AMMI yang disebut dengan *Generalized AMMI* atau disingkat GAMMI. Pada pemodelan GAMMI, visualisasi interaksi ini masih dimungkinkan. Namun demikian, seperti disebutkan Van Eeuwijk, interpretasi model GAMMI masih harus diinvestigasi karena sangat tergantung pada fungsi hubungan yang digunakan, meskipun jarak antar titik masih merepresentasikan ketakaditifan atau ketakbebasan. Artikel ini akan membicarakan bagaimana pengepasan (*fitting*) model bilinear dalam konsep MLT. Khususnya untuk pengamatan berupa cacahan, distribusi poisson dan binomial.

Model Linier Terampat (*Generalized Linear Models*)

Model linear klasik mempunyai karakteristik: galat atau peubah respon mengikuti sebaran Normal dengan ragam konstan, ragam bebas dari rata-rata, dan galat atau peubah respon saling bebas. Pada kelas pemodelan yang lebih luas tidak lagi terikat dengan asumsi ini. Nelder dan Wedderburn pada tahun 1972 mengenalkan model linear terampat (MLT, *generalized linear model*) yang tidak bergantung pada karakteristik atau asumsi model linear klasik, tetapi bergantung hanya sifat fungsi penghubung (*link*

function) yang menghubungkan antara μ_i (rata-rata) dan η_i (prediktor linear [linear predictor]) dari model sebaran peluang yang digunakan (McCullagh & Nelder, 1989). Peubah respon $y_i (i=1, \dots, n)$ merupakan nilai-nilai pengamatan peubah acak Y_i yang diasumsikan menyebar mengikuti sebaran tertentu (keluarga eksponensial) dengan nilai tengah $E(y_i) = \mu_i$. Pada kenyataannya, suatu fungsi ragam dari nilai tengah, $V(\mu)$, yang mungkin menyertakan parameter dispersi, memenuhi asumsi distribusi. $Var(y_i) = \phi V(\mu_i)$ dengan ϕ parameter dispersi (faktor skala) dan $V(\cdot)$ adalah fungsi ragam. Nilai tengah μ_i berhubungan dengan prediktor linear $\eta_i = \sum_{j=1}^n \beta_j x_{ij}$ atau $\boldsymbol{\eta} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ dimana x_{ij} peubah penjelas yang diketahui, sedang β_j adalah parameter, yang nilainya tidak diketahui) melalui suatu fungsi hubung: $g_i(\mu_i) = \eta_i$. Walaupun setiap pengamatan mungkin mempunyai fungsi penghubung yang berbeda, tetapi hal ini sangatlah jarang sehingga indeks i dalam fungsi g_i dapat dihilangkan atau $g_i(\mu_i)$ tereduksi menjadi $g(\mu_i)$. Pendugaan parameter β_j dalam vektor $\boldsymbol{\beta}$ dilakukan melalui prosedur iterasi regresi linier terboboti dari fungsi hubung yang terlinierisasi dan dikenakan kepada pengamatan (\mathbf{y}) pada peubah penjelas (\mathbf{x}). Fungsi hubung terlinierisasi atau fungsi hubung yang disesuaikan atau dalam GLIM dikenal dengan sebutan *working variate*, \mathbf{z} , mempunyai bentuk $z_i = \eta_i + g'[\eta_i](y_i - \mu_i)$ $\mathbf{z} = \boldsymbol{\eta} + (\mathbf{y} - \boldsymbol{\mu}) \delta \boldsymbol{\eta} / \delta \boldsymbol{\mu}$ (McCullagh & Nelder, 1989; Van Eeuwijk, 1995; Falguerolles, 1996). Setiap pengamatan juga mempunyai pembobot awal (prior weight) $w_i = [Var(z_i)]^{-1}$, atau $\mathbf{w} = (\delta \boldsymbol{\mu} / \delta \boldsymbol{\eta})^2 / V(\boldsymbol{\mu})$. Pada setiap putaran iterasi nilai \mathbf{x} dan \mathbf{z} akan di-update. Metode ini dikenal dengan *Iterative Reweighted Least Square* disingkat IRLS.

Secara umum, model linier terampat mempunyai karakteristik:

1. Peubah respon, Y , mempunyai sebaran dalam keluarga sebaran eksponensial.
2. Komponen linear atau sistematik yang menghubungkan prediktor linear $\boldsymbol{\eta}$ ke perkalian antara matrik rancangan \mathbf{X} dan parameter $\boldsymbol{\beta}$, $\boldsymbol{\eta} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$.
3. Fungsi penghubung (*link function*) $g(\cdot)$ –yang mengaitkan prediktor linear dengan nilai-nilai dugaan model (*fitted values*)– mempunyai sifat monotonik dan diferensiabel. $g(\cdot)$ ini mendeskripsikan bagaimana rata-rata respon yang diharapkan dihubungkan dengan $\boldsymbol{\eta}$, misalnya $\boldsymbol{\eta} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ dan $\boldsymbol{\mu} = g^{-1}(\boldsymbol{\eta}) = E(\mathbf{Y})$.

4. Peubah respon boleh mempunyai ragam tidak konstan yang nilainya berubah dengan berubahnya nilai rataannya, $\sigma_i^2 = f(\mu_i)$.

Tabel 1 Fungsi Penghubung (kanonik) dalam Model Linier Terampat

SEBARAN RESPON	NAMA	SIFAT HUBUNGAN
Normal	Identitas	$\eta = g(\mu) = \mu$
Poisson	Log	$\eta = g(\mu) = \log(\mu)$
Binomial	Logit	$\eta = g(\mu) = \log\left(\frac{\mu}{1-\mu}\right)$
Binomial Negatif	Log	$\eta = g(\mu) = \log\left(\frac{\mu}{\mu+k}\right)$
Gamma	Kebalikan	$\eta = g(\mu) = \frac{-1}{\mu}$

Model AMMI Terampat (*Generalized AMMI Model/GAMMI*)

Dalam suatu percobaan, respon yang diamati terkadang berupa data kategorik. Hal ini mengakibatkan pendekatan model AMMI menjadi tidak relevan sehingga perlu dilakukan analisis dengan menggunakan pendekatan lain. Untuk kasus ini, metode AMMI juga telah dikembangkan untuk menangani kasus-kasus yang lebih general. Model pendekatannya dikenal dengan nama model Generalized AMMI disingkat GAMMI (Van Eeuwijk, 1995) atau Generalized Bilinear Models disingkat GBMs (Falguerolles, 1996, & Gabriel, 1998). Model GAMMI dapat dituliskan:

$$\eta_{ij} = \nu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} \gamma_{ki} \delta_{kj}$$

Suatu model AMMI adalah model GAMMI dengan link identitas dan ragam konstan. Dengan menetapkan nilai β_j dan δ_{kj} mereduksi model menjadi GLM sepanjang baris, sedang menetapkan nilai α_i dan δ_{ik} menjadi GLM sepanjang kolom. Karakteristik dari model GAMMI ini dapat menjadi dasar untuk menentukan prosedur pendugaan parameter. Prosedur pendugaan parameter pada GLM lainnya, biasanya menggunakan metode kuadrat terkecil terboboti secara iteratif.

Algoritma Pengepasan Model AMMI Terampat

Pengepasan Model AMMI Terampat dilakukan secara iteratif dengan beberapa tahapan sebagai berikut (Van Eeuwijk, 1995; Falguerolles, 1996).

Tahapan pendugaan parameter pada model GAMMI dapat dilakukan sebagai berikut:

- (i) **Menentukan nilai awal untuk pengaruh utama dan interaksi kolom.** Ketika suatu model GAMMI dengan poros K akan disesuaikan dan tidak ada hasil yang didapat dari penyesuaian dengan poros $M < K$:

1. Modelkan pengaruh utama sebagai berikut: $\eta_{ij} = v + \alpha_i + \beta_j$
2. Simpan pendugaan $\hat{\beta}_j$ dari efek utama kolom
3. Pilih skor kolom, $\hat{\delta}_{kj}$, untuk poros 1 sampai K (skor-skor ini tidak harus sama semua, dan sebaiknya telah distandarisasi dan diortonormalisasi;

$$\sum_{j=1}^J \hat{\delta}_{kj} = 0, \sum_{j=1}^J \hat{\delta}_{kj}^2 = 1, \text{ untuk } k = 1, \dots, K \text{ dan } \sum \hat{\delta}_{kj} \hat{\delta}_{k'j} = 0, \text{ untuk } k \neq k'$$

Ketika pendugaan parameter dapat digunakan untuk model GAMMI dengan poros $M < K$, nilai dari $\hat{\beta}_j$ dan $\hat{\delta}_{kj}$, sekarang dengan k mulai dari 1, ..., M , dapat digunakan sebagai nilai awal untuk GLM pada tahap selanjutnya. Untuk nilai $\hat{\delta}_{kj}$ yang dimiliki poros $M + 1, M + 2, \dots, K$, nilai dapat dipilih lagi.

- (ii) **Pendugaan pengaruh utama dan interaksi baris.** Tentukan $b_j = \hat{\beta}_j$ dan $d_{kj} = \hat{\delta}_{kj}$, dan modelkan regresi baris:

$$\eta_{ij} = v + \alpha_i + b_j + \sum_{k=1}^K \gamma_{ki} d_{kj}$$

keterangan: b_j diharapkan telah diketahui dan tidak harus diduga; d_{kj} menggambarkan variabel *conco-mitant* pada faktor kolom. Parameter α_i dan $\gamma_{1i}, \gamma_{2i}, \dots, \gamma_{Ki}$ adalah intersep dan slop untuk regresi dari entri baris i pada variabel d_1, d_2, \dots, d_K . Pengaruh utama baris, $\hat{\alpha}_i$, tidak perlu dipusatkan dalam proses iterasi, ini mungkin sebaiknya hanya dilakukan setelah konvergen.

- (iii) **Pemusatan dan pengortogonalan pengaruh interaksi baris**

$$\sum_{i=1}^I \hat{\gamma}_{ki} = 0, \text{ untuk } k = 1, \dots, K \text{ dan } \sum_{i=1}^I \hat{\gamma}_{ki} \hat{\gamma}_{k'i} = 0, \text{ untuk } k \neq k'$$

- (iv) **Pendugaan efek utama dan interaksi kolom**

Tentukan $a_i = \hat{\alpha}_i$ dan $c_{ki} = \hat{\gamma}_{ki}$, dan modelkan regresi kolom

$$\eta_{ij} = v + a_i + \beta_j + \sum_{k=1}^K c_{ki} \delta_{kj}$$

keterangan: a_i membentuk *offset*, ketika nilai c_{ki} menunjukkan variabel *concomitant* pada faktor baris.

Parameter β_j dan $\delta_{1j}, \delta_{2j}, \dots, \delta_{Kj}$ adalah intersep dan slop untuk regresi pada entri kolom j pada variabel c_1, c_2, \dots, c_K . Tidak perlu memusatkan efek utama kolom, β_j , dalam prosedur.

(v) Standarisasi dan pengortonormalan pengaruh interaksi kolom

Standarisasi dan ortonormalisasi:

$$\sum_{j=1}^J \hat{\delta}_{kj} = 0, \sum_{j=1}^J \hat{\delta}_{kj}^2 = 1, \text{ untuk } k = 1, \dots, K \text{ dan } \sum_{k=1}^K \hat{\delta}_{kj} \hat{\delta}_{k'j} = 0, \text{ untuk } k \neq k'$$

Jika tidak terpenuhi maka lanjutkan prosesnya, $b_j = \hat{\beta}_j$ dan $d_{kj} = \hat{\delta}_{kj}$, dan fitkan regresi baris,

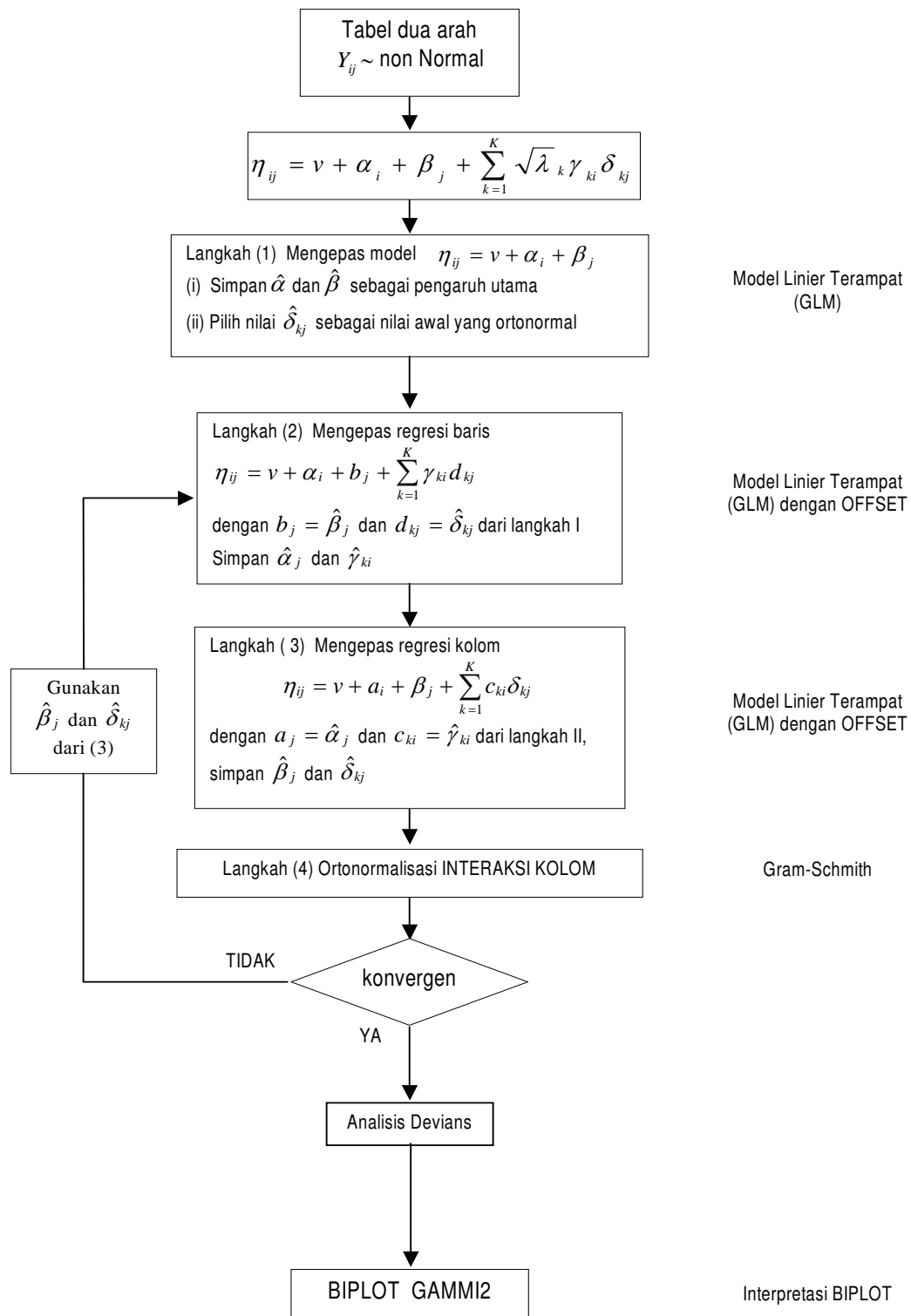
$$\eta_{ij} = v + \alpha_i + b_j + \sum_{k=1}^K \gamma_{ki} d_{kj}$$

Perubahan dari deviansi dari salah satu atau kedua regresi baris dan kolom dapat digunakan sebagai kriteria konvergen, atau perubahan dalam pendugaan dari salah satu atau keduanya parameter baris dan kolom. Jika kriteria kekonvergenan terpenuhi maka deviansi sisaan dari regresi baris akan menjadi sama dengan deviansi sisaan dari regresi kolom. Metode ini sering juga disebut metode pendugaan maksimum *quasi-likelihood*. Pada saat konvergen maka:

$$\sum_{i=1}^I \hat{\gamma}_{ki}^2 = \sqrt{\lambda_k}$$

Parameter $\sqrt{\lambda_k}$ menunjukkan suatu parameter asosiasi general, suatu nilai singular general. Kecuali untuk kasus model AMMI, tidak akan ada hubungan sederhana antara banyaknya deviansi yang bersesuaian dengan poros k dan kuadrat dari nilai singular:

$$(\sqrt{\lambda_k})^2 = \lambda_k.$$



Gambar 2 Algoritma pengepasan model GAMMI

Penentuan Banyaknya Suku Multiplikatif

Banyaknya unsur multiplikatif dalam model GAMMI dapat ditetapkan melalui generalisasi uji pada model AMMI, yaitu:

- 1) Uji rasio *likelihood* untuk akar ciri pertama, untuk akar ciri kedua jika diketahui yang pertama, dan untuk akar ciri berikutnya. Uji ini membandingkan persentase yang diterangkan oleh suku tertentu dengan jumlah total yang tetap akan diterangkan, dan tidak memerlukan suatu pendugaan untuk galat.
- 2) Uji F tidak membutuhkan tabel khusus dan mudah dalam perhitungannya. Suatu pendugaan bebas dari galat (*over/under* dispersi) diperlukan dan mungkin akan menyebabkan masalah.
- 3) Uji sederhana dengan atribut derajat bebas $(I - 1) + (J - 1) - (2k - 1)$ kepada akar ciri bersesuaian dengan poros k , menjadi perbedaan antara banyaknya parameter yang akan diduga dan banyaknya konstrain identifikasi yang dikenakan. Kuadrat tengah yang bersesuaian kemudian diuji melawan suatu pendugaan galat (*over/under* dispersi). Uji ini diusulkan oleh Golob pada 1968 (Van Eeuwijk, 1995). Ketika akar ciri pertama relatif cukup besar terhadap akar ciri selanjutnya, atribut derajat bebas aman untuk mengikuti Gollob dan mengumpulkan suku berikutnya untuk suatu pendugaan galat (*over/under* dispersi). Aplikasi sekuensial dari prosedur ini, menguji akar ciri suksesif melawan pendugaan galat terkumpul.

Penambahan komponen multiplikatif lainnya untuk model GAMMI membutuhkan perhitungan kembali pada suku yang telah dimasukkan. Karena perbedaan bobot sel, dimensionalitas suksesif tidak disarangkan sebagaimana biasanya untuk model AMMI dengan bobot sel yang sama.

Diagnostik Sisaan

Sisaan untuk tujuan diagnostik, setelah konvergen, dapat diperoleh dari regresi baris sebaik regresi kolom. Sisaan regresi baris dan kolom akan menyimpang sedikit dari sesamanya, karena perhitungan dari sisaan regresi baris mengasumsikan bahwa parameter kolom lebih diketahui daripada yang diduga, sedangkan untuk sisaan regresi kolom pendugaan dari parameter baris tidak perlu diketahui juga. Kemungkinan lainnya adalah untuk membuat peregresi dari hasil parameter interaksi baris dan kolom dalam jalan yang sama dengan uji satu-derajat bebas untuk ketakaditifan yang dapat memberikan suatu interpretasi regresi, dan mencocokkan suatu model dengan efek utama dan peregresi-peregresinya. Sisaan dari model ini adalah suatu kompromi antara sisaan dari regresi baris dan regresi kolom.

Diagnostik sisaan yang dilakukan untuk menilai kelayakan model, diadopsi dari kelas GLM/MLT. Kelayakan model dapat diperiksa secara informal melalui plot sisaan terhadap suatu fungsi dari nilai dugaan model (*fitted value*). Untuk penilaian kelayakan model secara umum pemeriksaan disarankan menggunakan sisaan devians terbakukan (*standardized deviance residual*) untuk diplot terhadap prediktor linier (*linear*

predictor) ataupun terhadap nilai dugaan model (*fitted value*) yang ditransformasi menjadi konstanta skala informasi bagi sebaran galat. Transformasi *fitted value* untuk beberapa sebaran galat antara lain:

$$\begin{array}{ll} \hat{\mu} & \text{untuk galat berdistribusi Normal;} \\ 2\sqrt{\hat{\mu}} & \text{untuk galat Poisson; dan} \\ 2\sin^{-1}\sqrt{\hat{\mu}} & \text{untuk galat Binomial;} \\ 2\log \hat{\mu} & \text{untuk galat Gamma;} \end{array}$$

Kelayakan model ditunjukkan oleh pola sisaan yang menyebar secara acak dengan kisaran konstan disekitar nilai tengah nol. Penyimpangan sistematis pada plot ini dapat berupa (i) bentuk kurva atau (ii) adanya perubahan kisaran dengan berubahnya *fitted value*. Bentuk kurva dapat disebabkan oleh salah satunya adalah penggunaan fungsi hubung yang salah. Sehingga jika plot ini tidak mengandung penyimpangan dapat kita katakan fungsi hubung yang digunakan tepat (model sesuai). Hal yang sama dapat kita peroleh pula dari plot sisaan dengan prediktor linier. Catatan: Plot ini tidak bermakna bagi data biner. Beberapa plot sisaan lain digunakan secara khusus memeriksa fungsi ragam dan fungsi hubung yang digunakan (McChullagh & Nelder, 1989).

Plot antara nilai mutlak sisaan terhadap nilai dugaan model (*fitted value*) memberikan pemeriksaan informal tentang kelayakan fungsi ragam yang diasumsikan. Kelayakan fungsi ragam yang diasumsikan ditunjukkan oleh tebaran titik-titik yang membentang kostan secara horisontal, tidak mengindikasikan suatu tren atau pola tertentu. Ketidak sesuaian fungsi ragam ditunjukkan oleh tren pada nilai tengah, tren positif menunjukkan fungsi ragam yang digunakan saat ini meningkat lambat dengan meningkatnya nilai tengah. Kecenderungan negatif mengindikasikan sebaliknya. Pemeriksaan informal untuk kesesuaian fungsi hubung yang digunakan dapat diperiksa melalui plot antara *working variate* terhadap prediktor linier, tetapi ini tidak berlaku umum, untuk sebaran binomial terutama, plot ini tidak bermakna.

Penyajian Interaksi melalui Biplot Model GAMMI

Biplot sangat baik dalam memperlihatkan interaksi multiplikatif dalam model AMMI. Dalam biplot, baris dan kolom digambarkan oleh titik dalam dua atau tiga-ruang dimensi. Koordinat dari titik didapatkan dari skor baris dan kolom. Nilai singular ditempatkan ke skor baris dan kolom dalam cara yang berbeda tergantung pada yang diperhatikan adalah dalam hubungan antarbaris, antarkolom, atau antara baris dan kolom. Dengan skor baris $\gamma'_{ki} = \gamma_{ki} \sqrt{\lambda_k}$ diplotkan, jarak antara titik baris adalah proporsional pada banyaknya interaksi antarbaris. Memplotkan δ'_{kj} , dengan $\delta'_{kj} = \delta_{kj} \sqrt{\lambda_k}$ mentransfer hubungan ini ke titik kolom. Dengan titik baris dan kolom sebagai titik akhir dari vektor yang dimulai dari titik pangkal, geometri sederhana dapat

memperlihatkan bahwa banyaknya interaksi, atau non-penjumlahan, antara sebuah baris dan kolom dapat didekati oleh *inner product* antara vektornya dari dalam biplot. *Inner product* ini dapat dihasilkan dengan memproyeksikan salah satu dari vektor baris atau kolom ke lainnya, dan kemudian mengalikan panjang dari proyeksi dengan panjang dari vektor tempat di mana proyeksi itu berada.

Untuk kelas yang lebih luas dari model GAMMI, adalah mungkin untuk memvisualisasi interaksi dengan menggunakan biplot, tetapi interpretasinya tergantung pada fungsi hubung tertentu.

Model GAMMI Log-Bilinier

Secara khusus berikut ini disajikan teladan lain model GAMMI yang merupakan model baris \times kolom Goodman (*RC Goodman model*) untuk tabel frekuensi (cacahan) dua arah $I \times J$. Model ini mengasumsikan bahwa setiap sel $I \times J$ saling bebas dan bersebaran Poisson. P_{ij} adalah peluang bagi suatu pengamatan berada pada baris ke- i dan kolom ke- j ,

$$P_{ij} = \alpha_i \beta_j \exp\left(\sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} \gamma_{ki} \delta_{kj}\right)$$

dengan α_i dan β_j parameter yang positif.

Sebagai kendala identifikasi bagi suku multiplikatif interaksi, digunakan kendala yang sama dengan kendala pada model AMMI. Dengan mengambil nilai logaritma, model tersebut ekuivalen dengan model log-bilinier:

$$\eta_{ij} = \log(P_{ij}) = v + \alpha_i + \beta_j + \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} \gamma_{ki} \delta_{kj} \text{ dan dapat dikenali sebagai model AMMI}$$

terempat dengan fungsi hubung logaritma.

Untuk model asosiasi baris \times kolom yang relevan adalah bentuk dari non-independen daripada non-aditif. Goodman mendefinisikan dua bentuk dari non-independen, yaitu:

$$\omega_{ij} = \log\left(\frac{P_{ij}}{\alpha_i \beta_j}\right) = \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} \gamma_{ki} \delta_{kj} \text{ dan } \pi_{ij} = \log\left(\frac{P_{ij} P_{st}}{P_{it} P_{sj}}\right) = \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} (\gamma_{ki} - \gamma_{ks})(\delta_{kj} - \delta_{kt}) \text{ sebagai log-odds}$$

ratio yang didefinisikan untuk sel dalam baris i dan s , dan kolom j dan t . Parameter baris yang diskalakan $\gamma'_{ki} = \gamma_{ki} \sqrt{\lambda_k}$, dapat diinterpretasikan sebagai slop dari suatu regresi

linear terboboti dari ukuran non-independen ω_{ij} pada skor kolom, $\delta_{kj} : \sum_{j=1}^J \lambda_{ij} \delta_{kj} = \gamma'_{ki}$.

Ketika γ'_{ki} digunakan sebagai koordinat untuk titik baris dalam biplot, jarak kuadrat antara dua titik baris mendekati non-independen antara dua baris, karena

$$\sum_{k=1}^K (\gamma'_{ki} - \gamma'_{ks})^2 = \sum_{j=1}^J (\omega_{ij} - \omega_{sj})^2$$

Hubungan yang sama dapat dideduksikan untuk δ'_{kj} dan γ_{ki} . Oleh karenanya, Goodman merekomendasikan untuk tampilan hanya dari titik baris untuk menggunakan $\gamma'_{ki} = \gamma_{ki} \sqrt{\lambda_k}$, dan untuk titik kolom $\delta'_{kj} = \delta_{kj} \sqrt{\lambda_k}$.

Untuk tampilan simultan, rekomendasinya adalah untuk menggunakan $\gamma^*_{ki} = \gamma_{ki} \lambda_k^{0.5(1-c)}$ dan $\delta^*_{kj} = \delta_{kj} \lambda_k^{0.5c}$ ($0 \leq c \leq 1$), di mana pemilihan dari c tergantung pada titik beratnya berada pada baris atau kolom. *Inner product* dari titik baris dan kolom dalam suatu biplot simultan mendekati ukuran non-independen ω_{ij} di mana γ dan δ diskalakan menjadi γ^* dan δ^* , seperti yang terlihat pada

$$\omega_{ij} = \log \left(\frac{P_{ij}}{\alpha_i \beta_j} \right) = \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} \gamma_{ki} \delta_{kj} = \sum_{k=1}^K \gamma^*_{ki} \delta^*_{kj} = |\gamma^*_i| |\delta^*_j| \cos(\gamma^*_i, \delta^*_j),$$

di mana γ^*_i dan δ^*_j dinotasikan sebagai vektor dari panjang K . Dalam biplot yang sama, *inner product* dari suatu perbedaan titik baris dengan suatu perbedaan titik kolom mendekati log-rasio odd:

$$\begin{aligned} \pi_{ij} &= \log \left(\frac{P_{ij} P_{st}}{P_{it} P_{sj}} \right) = \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} (\gamma_{ki} - \gamma_{ks}) (\delta_{kj} - \delta_{kt}) \\ &= \sum_{k=1}^K (\gamma^*_{ki} - \gamma^*_{ks}) (\delta^*_{kj} - \delta^*_{kt}) = |\gamma^*_i - \gamma^*_s| |\delta^*_j - \delta^*_t| \cos(\gamma^*_i - \gamma^*_s, \delta^*_j - \delta^*_t), \end{aligned}$$

dengan γ^*_i , γ^*_s , δ^*_j , dan δ^*_t vektor dari panjang K . Biplot simultan menghasilkan suatu alat yang sangat baik untuk memvisualisasi non-independen dalam tabel dua-arah dari perhitungan yang dianalisis oleh model asosiasi baris \times kolom.

Untuk model GAMMI lainnya interpretasi dari hubungan biplot tetap harus diinvestigasi. Tidak lupa juga, jarak antara titik dari salah satu baris atau kolom akan selalu mengindikasikan beberapa bentuk dari non-aditif atau non-independen. Tampilan simultan seharusnya diinterpretasikan dengan lebih hati-hati, namun di sini *inner product* dari titik baris atau kolom akan tetap mendekati non-aditif pada skala linear prediktor.

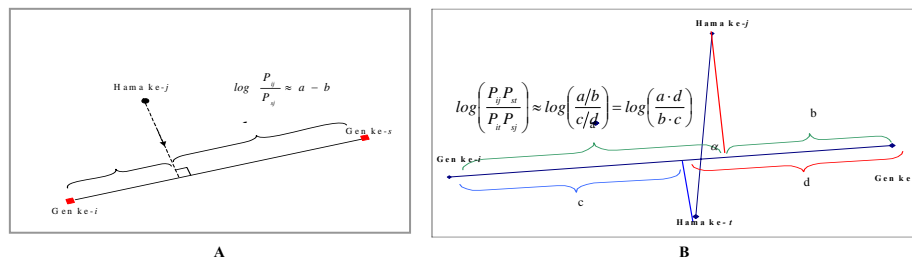
Secara khusus, untuk kasus data Poisson (model Log-bilinear) Biplot memberikan informasi dua informasi penting. Pertama tentang ketidakbebasan antar baris atau antar kolom yang ditunjukkan oleh jarak (kuadrat) antar titik-titik baris atau antar titik kolom pada Biplot. Informasi lain yang cukup menarik adalah tentang perbandingan dua peluang kejadian (*odd ratio*). Informasi ini merupakan interpretasi geometrik yang memanfaatkan sifat proyeksi vektor, secara ringkas sebagai berikut:

Odds. Odds adalah perbandingan dua peluang kejadian. Dari tabel dua arah genotipe \times populasi hama dapat diperoleh informasi perbandingan peluang. Kita definisikan

x_{ij} sebagai nilai sel baris ke- i kolom ke- j dan $P_{ij} = x_{ij} / \sum_{ij} x_{ij}$ peluang kejadian baris ke- i kolom ke- j , sehingga dapat dihitung perbandingan peluang dua genotipe, katakanlah genotipe ke- i dan ke- s , terserang suatu hama, katakan hama ke- j sebagai P_{ij} / P_{sj} . Odds untuk hama ke- t pada kedua genotipe yang sama dapat dihitung dengan cara yang sama P_{st} / P_{it} . Tinjauan geometris atas fenomena ini direpresentasikan gambar 1A. Perhatikan bila panjang a dan b sama, jarak dari titik hama akan sama untuk kedua genotipe.

Rasio Odds. Perbandingan dua odds, misalnya rasio antara odds untuk hama ke- j terhadap genotipe ke- i dan genotipe ke- s dengan odds untuk hama ke- t terhadap genotipe-genotipe yang sama ditulis sebagai $\frac{P_{ij} / P_{it}}{P_{st} / P_{sj}}$.

Rasio odds ini dapat dipahami melalui gambar 1B dengan memperhatikan perbandingan selisih panjang a dan b dengan c dan d .



Gambar 1 Tinjauan geometris tentang Odds (A) dan Rasio Odds (B)

Catatan: Bila vektor yang menghubungkan dua hama dan yang menghubungkan dua genotipe saling tegak lurus, $\alpha=90^\circ$, maka perbandingan ini akan sama dengan satu, nilai log dari rasio odds ini adalah nol.

Menurut model log-bilinier (GAMMI *log-link*) rasio odds ini dapat diperoleh skala logaritma:

$$\pi_{ij} = \log \left(\frac{P_{ij} P_{st}}{P_{it} P_{sj}} \right) = \sum_{k=1}^K \sqrt{\lambda_k} (\gamma_{ki} - \gamma_{ks}) (\delta_{kj} - \delta_{kt})$$

Melalui penurunan rumus sehingga diperoleh

$$\pi_{ij} = \sum_{k=1}^K (\gamma_{ki}^* - \gamma_{ks}^*) (\delta_{kj}^* - \delta_{kt}^*) = \|\gamma_i^* - \gamma_s^*\| \|\delta_j^* - \delta_t^*\| \cos(\gamma_i^* - \gamma_s^*, \delta_j^* - \delta_t^*)$$

Ilustrasi

Data dalam artikel ini berasal dari percobaan pengendalian terhadap hama daun pada galur kedelai tahan hasil persilangan oleh Balitkabi di Malang, Jawa Timur. Percobaan ini melibatkan empat galur/varietas kedelai tahan hasil persilangan (Wilis, IAC-100, IAC-80-596-2 dan W/80-2-4-20). Penelitian ini memanfaatkan data populasi hama daun pada umur 14 hari setelah tanam.

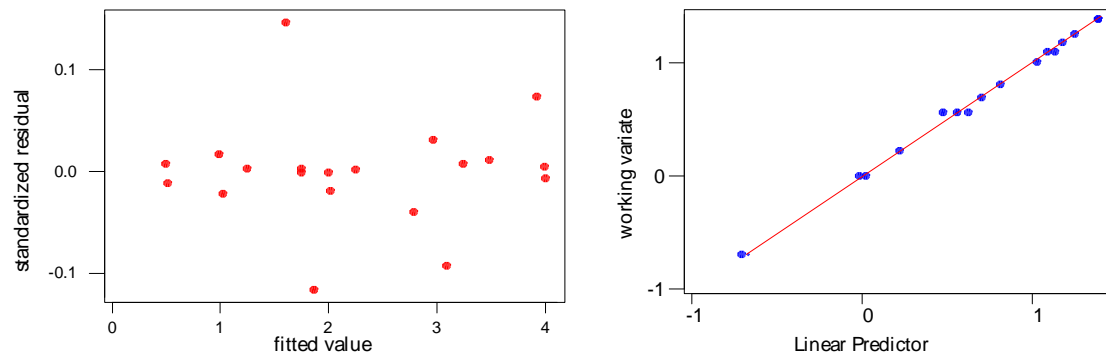
Keempat genotipe kedelai memberikan respon ketahanan daun yang berbeda terhadap lima jenis hama daun. Tabel 2 menyajikan rata-rata populasi kelima hama yang ditemui pada keempat varietas kedelai pada usia 14 hari setelah tanam. Dengan algoritma bolak-balik Gambar 1, model GAMMI menggunakan fungsi hubungan logaritma natural dan sebaran Poisson. Analisis devians disajikan pada Tabel 3 menunjukkan bahwa rata-rata residual devians adalah 0.0134; pada perhitungan sisaan berbasis Khi-kuadrat Pearson sebesar 0.0135. Tabel 3 menunjukkan bahwa model GAMMI-2 memenuhi kelayakan, karena rasio rata-rata devians sumbu 2 signifikan pada nilai- $p < 0.0541$ F-tabel [4,2]. Nilai singular sumbu 1 dan 2 berturut-turut adalah 1.739, 0.5927. Plot residual devians terhadap nilai dugaan model dan linear prediktor, menunjukkan tidak adanya kelainan yang berarti. Plot antara *working variate* terhadap prediktor linier dapat mengindikasikan ketidaktepatan penggunaan fungsi hubungan, jika plot ini tidak linier. Tidak ada penyimpangan pada plot ini (Gambar 2). Sehingga model GAMMI-2 dengan log-link dan distribusi Poisson tampak mengemas data dengan baik.

Tabel 2 Rataan populasi lima jenis hama daun pada empat genotipe kedelai

Genotip e	Jenis Hama Daun				
	<i>Bemissi</i>	<i>Empoosco</i>	<i>Agromyza</i>	<i>Lamprosem</i>	<i>Longitarsus</i>
	<i>a</i>	<i>a</i>		<i>a</i>	<i>s</i>
IAC-100	0.50	1.75	2.25	0.50	1.75
IAC-80	3.00	2.75	1.00	1.75	3.25
W/80	3.50	4.00	1.25	2.00	2.00
Wilis	4.00	3.00	1.00	1.75	4.00

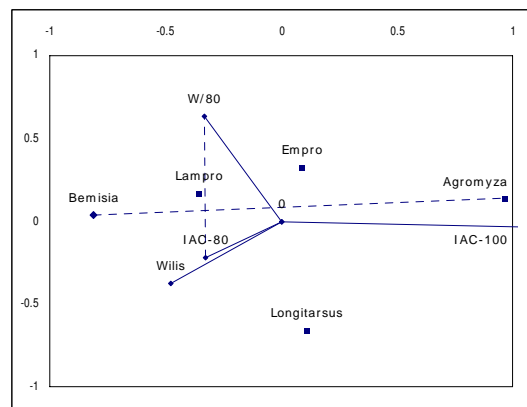
Tabel 3 Analisis devians untuk data populasi hama daun

Sumber	Derajat Bebas	Devians	Rataan Devians	Rasio Rataan Devians	Nilai-p
Hama Daun	4	4.1845	1.0461	78.38	0.0126
Genotipe	3	2.8359	0.9453	70.83	0.0139
GAMMI 1	6	3.6709	0.6118	45.84	0.0215
GAMMI 2	4	0.9477	0.2369	17.75	0.0541
Residual	2	0.0267	0.0133		
Total	19	11.6656	0.6140		



Gambar 2. Plot residual untuk data hama kedelai: Plot residual terstandarisasi terhadap nilai dugaan model GAMMI-2 *log-link* (kiri); Plot *working variate* terhadap prediktor linier (kanan).

Biplot GAMMI-2 menyajikan informasi interaksi genotipe \times hama. Genotipe W/80 tampak berpeluang untuk menjadi kandidat varietas yang relatif tahan terhadap semua jenis hama daun kecuali pada *Empoasca*, itupun hanya jika dibandingkan dengan varietas IAC-100 yang secara spesifik rentan terhadap *Agromyza* (Gambar 3). Biplot interaksi model log-bilinier dapat digunakan secara baik untuk menemukan pasangan genotipe kedelai dan pasangan populasi jenis hama yang mempunyai rasio odds satu atau log-rasio odds nol. Pada data kita, ditemui bahwa pasangan itu adalah genotipe W/80 dan IAC-80 terhadap hama Bemisia dan Lalat. Garis antar genotipe “hampir” tegak lurus dengan garis antar jenis hama menunjukkan log-rasio odds “mendekati” nol.



Gambar 3. Biplot GAMMI-2 untuk interaksi hama daun dengan fungsi hubungan logaritma.

Tabel 2 dapat memverifikasi bahwa rasio odds antara keduanya mendekati 1. Artinya W/80 dan IAC-80 mempunyai kesamaan, W/80 cenderung terserang Bemisia daripada Lalat, demikian pula dengan IAC-80 dalam skala (odds rasio) yang sama.

Simpulan

Model AMMI Terampat (GAMMI) mengakomodir ketidaknormalan data untuk memperoleh dekomposisi interaksi secara lengkap, dengan memodelkan peluang kejadian. Dalam bidang pemuliaan tanaman manfaat sangat dirasakan untuk uji stabilitas/adaptabilitas genotipe pada pebuah indikator yang berdistribusi bukan Normal, namun diketahui distribusinya dalam keluarga eksponensial, misalnya Poisson, atau Binomial, Gamma. Biplot GAMMI model Poisson dengan fungsi hubung logaritma memberikan tambahan informasi tentang rasio odds.

Pada studi ketahanan genotipe kedelai terhadap hama daun, model GAMMI-2 berhasil menjelaskan bahwa Genotipe W/80 adalah kandidat varietas yang relatif tahan terhadap hampir semua jenis hama daun. IAC-100 rentan terhadap Lalat. Genotipe W/80 dan IAC-100 terhadap hama *Bemisia* dan *Agromyza* mempunyai log-rasio odds “mendekati” nol.

Pustaka

- Aunuddin, 2005. Statistika: Rancangan dan Analisis. IPB Press, Bogor.
- Falguerolles, de A, 1996. Generalized Linear-Bilinear Models. An Abstract. Society of Computational Economics. 2nd International Conference on Computing and Finance. Genewa, Switzerland, 26–28 June 1996. <http://www.unige.ch/ce/ce96/defalgue/> [14 Juni 2007]
- Gabriel, K. R., 1998, Generalised Bilinear Regression. *Biometrika*. **85** (3):689-700.
- Greenacre, M. J. 1984. Theory and Applications of Correspondence Analysis. Academic Press. London.
- Jolliffe, I T. 1986. Principal Component Analysis. Springer-Verlag. New York
- Hadi, A. F. & H. Sa'diyah, 2004. AMMI Model untuk Analisis Interaksi Genotip \times Lokasi. *Jurnal Ilmu Dasar* 1:33-41
- Lawes Agricultural Trust, 2003. **The Guide to GenStat® Release 7.1 Part 2: Statistics**. VSN International, Wilkinson House, Jordan Hill Road, Oxford, UK.
- Mattjik A. A. & Sumertajaya I. M. 2002. Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan MINITAB. 2nd Ed. IPB Press. Bogor.
- Mattjik A. A., 2005. Interaksi Genotipe dan Lingkungan dalam Penyediaan Sumberdaya Unggul. Naskah Orasi Ilmiah Guru Besar Biometrika. Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- McCullagh, P. and Nelder, J. A. 1989. Generalized Linear Models. 2nd ed. Chapman and Hall, London.

- Sumertajaya, I M. 1998. Perbandingan Model AMMI dan Regresi Linier untuk Menerangkan Pengaruh Interaksi Percobaan Lokasi Ganda. Tesis. Program Studi Statistika Sekolah Pascasarjana IPB, Bogor
- Tengkano, W & Soehardjan, M, 1993. Jenis Hama Utama pada Berbagai Fase Pertumbuhan Tanaman Kedelai, dalam S. Somaatmadja *et al* (eds.) Kedelai. Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan. Bogor
- Van Eeuwijk, F A, 1995. *Multiplicative Interaction in Generalized Linear Models. Biometrics*, **51**, 1017–1032

Ucapan Terima Kasih

1. Prof. Fred Van Eeuwijk(The University of Wageningen) dan Paul Keizer (CPRO-DLO. Wageningen) atas diskusinya tentang AMMI dan GENSTAT.
2. Artikel ini merupakan bagian dari Penelitian yang didukung dana HIBAH BERSAING Perguruan Tinggi 2007.